



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2015
<b>Local</b>	Porto Alegre - RS
<b>Título</b>	Identificação da enzima G3PAT no processo de catalisação da incorporação de ácidos-graxos na produção de lipídeos.
<b>Autor</b>	RAFAELA ALTOE MACORIN
<b>Orientador</b>	ALEXANDRO CAGLIARI
<b>Instituição</b>	Universidade Estadual do Rio Grande do Sul

Identificação da enzima G3PAT no processo de catalisação da incorporação de ácidos – graxos na produção de lipídeos.

Autor: Rafaela Altoé Macorin

Orientador: Alexandro Cagliari

Instituição: Universidade Estadual do Rio Grande do Sul (UERGS)

Triacilglicerois (TAGs) são a principal forma de armazenagem de lipídeos em organismos vivos. Esses lipídeos de armazenagem apresentam grande valor nutricional e representam uma importante fonte de óleos comestíveis para alimentação humana e para a indústria. Uma das principais fontes comerciais de lipídeos são as algas. Baseado em sua diversidade lipídica inúmeras algas veem sendo estudadas buscando por variedade que apresentam uma grande capacidade de acúmulo de lipídeos. O metabolismo de lipídeos em algas, especialmente a formação de TAGs, é muito menos compreendido em algas do que em plantas superiores. Uma das principais enzimas envolvidas no acúmulo de lipídeos em forma de TAGs é a Glicerol-3-Fosfato-1-Aciltransferase (G3PAT). A G3PAT é uma enzima solúvel, responsável por catalisar a incorporação de um grupo Acil, a partir de proteínas de transporte ou moléculas de Acil-CoA para a posição sn-1 de glicerol-3-fosfato, para se obter o ácido Lisofosfatídico. Em plantas, duas formas da G3PAT são conhecidas: plastidial e citoplasmática. Utilizando gene codificante de *A.thaliana* G3PAT (At5g06090, At1g06520, At4g00400, At1g32200) foram realizadas buscas BLAST no genoma das espécies de algas presentes no banco de dados do Phytozome ([phytozome.jgi.doe.gov/](http://phytozome.jgi.doe.gov/)). Foram identificados 7 genes em 6 espécies diferentes de algas. Através do alinhamento das sequencias proteicas identificadas, usando software MEGA ([www.megasoftware.net/](http://www.megasoftware.net/)), foi possível identificar os domínios funcionais da enzima G3PAT. A fim de reconstruir a história evolutiva desta enzima, foi realizado análise filogenética através de inferência Bayesiana, usando o software BEAST ([beast.bio.ed.ac.uk/](http://beast.bio.ed.ac.uk/)). Este trabalho tem como objetivo o maior entendimento da enzima G3PAT, pois sabe-se através de bibliografias a sua importância no processo de armazenamento de lipídeos.